



# AL-FARABI KAZAKH NATIONAL UNIVERSITY

80 years of professed leadership

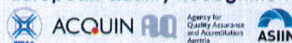


GLOBAL HUB OF THE UN  
"ACADEMIC IMPACT"  
PROGRAM ON SUSTAINABILITY  
<http://unaihub.kaznu.kz/>



UNESCO/UNITWIN Chair Program  
UNESCO Chair on Sustainable  
Development at al-Farabi KazNU

European Quality Recognition



Study in 3 languages:  
Kazakh  
Russian  
English

## About the University

- 14 Schools and 64 Departments
- 83 BA, 86 MA, 60 PhD
- 7 International Centers
- 8 Research Institutes and 25 Centers
- Regional Technopark
- 2 National Level Labs
- More than 80 Students Organizations

## International Centers

- MDP/GLOBAL CLASSROOM, Columbia University
- French-Kazakh Centre for Geo Energies
- Chinese Cultural Center
- Kazakh - Indo - US Collaboration for Engineering Education (KIUCEE)
- Center for European Documentations
- American and NATO Center
- UN Center

## Partnership with International Organizations

- Central Asian Nuclear Reaction Data Center, created by Japan AEA and IAEA
- HP Technology Education and Research Center
- FUJITSU - Smart Library
- CISCO - Networking Academy
- INSPUR - Data Center
- Samsung Innovation Academy

## Presence of Al-Farabi KazNU in abroad

- The Al-Farabi Cultural and Research Center at the University of Jordan, Jordan
- "Initiative campus in campus" with University of Tsukuba, Japan
- Al-Farabi laboratory at the University of Rostock, Germany
- Joint Chimerical Laboratory at the International Center for Chemical and Biological Science, Karachi, Pakistan
- IGIP Kazakhstan Center, IGIP, Italy

## International Research Grants

- ISTE, EBRD, World Bank, Tempus, ERASMUS MUNDUS, NATO, IAEA, OSCE, Open Society Institute, Fund of Carnegie, Volkswagen, FulBright, Korea Foundation, Japan Foundation, UNWTO

London 2012

al-Farabi KazNU Alumni



## Sport Achievement

17th Asian Games, Incheon 2014,  
Medal Winners:  
Gold-4, Silver-4, Bronze-4  
Medal Winner:  
Gold -4,  
National Team Members-41

- 7 Ministers,
- 4 Governors,
- 31 Rectors,
- 54 Top Managers,
- 1/3 Members of Parliament
- 1/5 CEOs of National Corporations

15th Summer Olympics,  
London 2012,  
Gold Winner Podobedova

[WWW.KAZNU.KZ](http://www.kaznu.kz)  
[HTTP://ICD.KAZNU.KZ](http://icd.kaznu.kz)



# ISOCARD 2015

ISOCARD ҚОҒАМЫНЫҢ  
«ЖІБЕК ЖОЛЫ ТҮЙЕЛЕРІ:  
ТҰРАҚТЫ ДАМУДА  
КАМЕЛИДТЕРДІ ЗЕРТТЕУ»

ALMATY

4<sup>th</sup> КОНФЕРЕНЦИЯСЫ

4<sup>TH</sup> CONFERENCE OF ISOCARD  
"SILK-ROAD CAMEL:  
THE CAMELIDS, MAIN STAKES  
FOR SUSTAINABLE DEVELOPMENT"

4<sup>АЯ</sup> КОНФЕРЕНЦИЯ ISOCARD  
«ВЕРБЛЮДЫ ШЕЛКОВОГО ПУТИ:  
ИССЛЕДОВАНИЯ КАМЕЛИДОВ  
ДЛЯ УСТОЙЧИВОГО РАЗВИТИЯ»

ҰЙЫМДАСТЫРУШЫЛАР / ORGANIZATORS



8-12  
MAUSYIM  
JUNE  
ИЮНЯ

ДЕМЕШПЕР / SPONSORS



Tofflon

Lamelicious



cirad



Alliance Française



ISSN 1999-3951





# ВЕТЕРИНАРИЯ

ҒЫЛЫМИ-ТӘЖІРИБЕ ЖУРНАЛЫ / НАУЧНО-ПРАКТИЧЕСКИЙ ЖУРНАЛ / SCIENTIFIC AND PRACTICAL JOURNAL

ISOCARD ҚОҒАМЫНЫҢ  
«ЖІБЕК ЖОЛЫ ТҮЙЕЛЕРІ:  
ТҰРАҚТЫ ДАМУДА  
КАМЕЛИДТЕРДІ ЗЕРТТЕУ»

4<sup>Ш</sup> КОНФЕРЕНЦИЯСЫ

4<sup>TH</sup> CONFERENCE OF ISOCARD  
“SILK ROAD CAMEL:  
THE CAMELIDS, MAIN STAKES  
FOR SUSTANAIBLE DEVELOPMENT”

4<sup>АЯ</sup> КОНФЕРЕНЦИЯ ISOCARD  
«ВЕРБЛЮДЫ ШЕЛКОВОГО ПУТИ:  
ИССЛЕДОВАНИЯ КАМЕЛИДОВ  
ДЛЯ УСТОЙЧИВОГО РАЗВИТИЯ»

ISSN 1999-3951



4 605817 132331

**ISOCARD ҚОҒАМЫНЫҢ**  
**“Жібек жолы түйелері: тұрақты дамуда**  
**камелидтерді зерттеу”**  
**4-ші конференциясының**  
**МАТЕРИАЛДАРЫ**  
Қазақстан, Алматы қаласы, 8-12 маусым, 2015 жыл

**PROCEEDINGS**  
of 4th Conference of ISOCARD  
“Silk Road Camel: The Camelids, Main Stakes  
For Sustainable Development”  
June 8-12, 2015 Almaty, Kazakhstan

**МАТЕРИАЛЫ**  
4-ой конференции ISOCARD  
“Верблюды шелкового пути: исследования  
камелидов для устойчивого развития ”  
8-12 июня, 2015 Алматы, Казахстан

Special issue of Scientific and Practical Journal Veterinariya #2 (42) 2015  
«Ғылыми және практикалық Ветеринария» журналының арнайы нөмірі №2 (42) 2015  
Специальный номер научно-практического журнала «Ветеринария» №2 (42) 2015

Almaty, 2015



**Editor in chief – G. Konuspayeva/Главный редактор – Конуспаева Г.С.**

**Editorial board/Редакционная коллегия:**

Akhmetsadykov N.N. (Antigen/KazNAU),  
Baubekova A. (Antigen/KazNU),  
Faye B. (CIRAD, France),  
Akhetzhan M. (Antigen),  
Alimbekova M. (Antigen),  
Batanova Zh. (KazNAU),  
Khusainov D. (KazNAU),  
Konuspayeva Z. S.,

Kondybayev A. (Antigen),  
Konuspayev Y.S. (Company FLS-KZ),  
Narmuratova M. (KazNU),  
Nurseitova M. (Antigen),  
Obed M.P. (CIRAD, France)  
Serikbayeva A.D. (KazNAU),  
Yernazarova A. (KazNU)

**Proceedings** of 4th conference of ISOCARD «Silk Road Camel: Main Stake For Sustainable Development». June 8-12, 2015 Almaty, Kazakhstan. – Материалы 4-ой конференции ISOCARD «Верблюды шелкового пути: исследования камелидов для устойчивого развития». 8-12 июня 2015 года; город Алматы / Editor in chief G. Konuspayeva. – Алматы: Қазақ университеті, 2015. – 488 с.  
ISSN 1999-3951

ISSN 1999-3951

Citation of the Proceedings as « Special Issue of Scientific and Practical Journal Veterinariya #2 (42) 2015 »

© Научно-практический журнал «Ветеринария», 2015  
© КазНУ имени аль-Фараби, 2015  
© Общественный фонд ISOCARD-Kazakhstan, 2015

## SPECIAL SESSION ON CAMEL GENOMIC

### BINDING SITES OF MIRNAS WITH TRANSCRIPTION FACTORS' GENES OF CAMELUS FERUS

Alybaeva A.<sup>1</sup>, Berillo O.<sup>1</sup>, Niyazova R.<sup>1</sup>, Faye B.<sup>2,3</sup>, Ivashchenko A.<sup>1</sup>

1. National nanotechnology laboratory, al-Farabi KazNU, Almaty, Kazakhstan, aigul\_alybaeva@mail.ru; 2. CIRAD-ES, Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 1, France; 3. FAO Camel project, P.O.Box 761 Al-Kharj, 11942 Saudi Arabia

#### Abstract

We searched binding sites of miRNAs in mRNAs of 157 transcription factors' genes of wild camel (*Camelus ferus*). The mRNAs of 96 genes of zincfinger transcription factors' family have 16, 210 and 34 binding sites in the 5'UTRs, CDSs and 3'UTRs, respectively. The mRNA of GLI2 gene has binding sites for eight miRNAs. The mRNAs of GLIS1 and ZNF236 genes contain seven binding sites. In the 3'UTR mRNA of ZFP91 gene were revealed 13 miR-574-5p binding sites arranged located through two nucleotides. The  $\Delta G/\Delta G_m$  value is equal to 93%. miR-1322 has one binding site in GLI1, HINFP, HIVEP1, MTF1, SALL4, SP1, ZNF335 and ZNF451 genes, two sites in ZNF142, three sites in EGR1 gene. mRNA of VEZF1 gene has eight miR-1322 binding sites arranged located through three nucleotides. miRNAs with the length of 25 and 26 nucleotides have the highest binding energy. The  $\Delta G$  value varied from -114,6 kJ/mole to -138,0 kJ/mole. Some miRNAs with a length of 23 and 24 nucleotides also have a high value  $\Delta G$  varied from -112,5 kJ/mole to -129,5 kJ/mole. The results show a strong interaction between the expression of genes of transcription factors and miRNAs.

**Key words:** transcription factor, miRNA, mRNA, camel.

### МИ-РНКНЫҢ CAMELUS FERUS ТРАНСКРИПЦИЯЛЫҚ ФАКТОРЛАРДЫҢ ГЕНДЕРІМЕН БАЙЛАНЫСУ САЙТТАРЫ

Біз жабайы түйе *Camelus ferus* отбасы транскрипциялық факторларының 157 гендердің mRNA-да miRNA-дың байланысу сайттарын іздестірдік. Цинк фингер отбасының 96 транскрипциялық факторлар гендер mRNA-сының 5'UTR-де 16 сайт, CDS-те 210 сайт және 3'UTR-де 34 сайттар орналасқан. GLI2 геннің mRNA-мен сегіз miRNA-ның байланысу сайттар бар. GLIS1 және ZNF236 гендер mRNA-да miRNA-дың жеті байланысу сайттары бар. ZFP91 ген mRNA-ның 3'UTR miR-574-5p байланыстыратын 13 сайты бар, олар 2 нуклеотидтен кейін орналасқан.  $\Delta G/\Delta G_m$  дәрежесі 93% тен болды. miR-1322-ң GLI1, HINFP, HIVEP1, MTF1, SALL4, SP1, ZNF335 и ZNF451 нысана-гендерінің mRNA-да бір, ZNF142-да екі, EGR1 генінде үш байланысу сайты бар. VEZF1 ген mRNA-да miR-1322 байланыстыратын ретімен 3 нуклеотидтен кейін орналасқан сегіз байланысу сайты бар.  $\Delta G$  мөлшері -114,6 кДж/моль-дан -138,0 кДж/моль дейін өзгеріп отырды. Кейбір 23 және 24 нуклеотидтерден тұратын  $\Delta G$  мөлшері -114,6 кДж/моль-дан -129,5 кДж/моль дейін өзгеріп отырды. Алынған *Camelus ferus* Zinc finger тұқымдасы транскрипциялық факторының гендерінің mRNA-мен miRNA-ң байланысу сайттарының сипаттамасы олардың көпшілігінің биосинтезі miRNA көмегімен реттелуі мүмкін екендігін дәлелдейді.

**Түйін сөздер:** транскрипциялық факторлар, miRNA, mRNA, түйе

### САЙТЫ СВЯЗЫВАНИЯ MIRNA С ГЕНАМИ ТРАНСКРИПЦИОННЫХ ФАКТОРОВ CAMELUS FERUS

Проведен поиск сайтов связывания miRNA в mRNA 157 генов транскрипционных факторов дикого верблюда (*Camelus ferus*). В mRNA 96 генов транскрипционных факторов семейства цинк фингер найдены 16, 210 и 34 сайтов связывания в 5'UTR, CDS и 3'UTR соответственно. mRNA гена GLI2 имела сайты связывания для восьми miRNAs. mRNA генов GLIS1 and ZNF236 содержали по семь сайтов связывания miP. В 3'UTR mRNA гена ZFP91 выявлено 13 сайтов связывания с miR-574-5p, которые упорядоченно располагались через 2 нуклеотида. Величина  $\Delta G/\Delta G_m$  равнялась 93%. miR-1322 имела по одному сайту связывания в генах GLI1, HINFP, HIVEP1, MTF1, SALL4, SP1, ZNF335 и ZNF451, два сайты в ZNF142, три сайта в EGR1. mRNA гена VEZF1 имела восемь последовательно расположенных через три нуклеотида сайтов связывания miR-1322. Наибольшую энергию связывания имели miRNAs с длиной 25 и 26 нуклеотидов. Величина  $\Delta G$  изменялась от -114,6 kJ/mole до -138,0 kJ/mole. Некоторые miRNAs с длиной 23 и 24 нуклеотида тоже имели высокое значение  $\Delta G$  которое изменялось от -112,5 kJ/mole до -129,5 kJ/mole. Полученные данные показывают сильную зависимость экспрессии генов транскрипционных факторов от miRNAs.

**Ключевые слова:** транскрипционные факторы, miRNA, mRNA, верблюд

#### Introduction

The expression of most eukaryotic genes is dependent on TFs. They play an important role in the regulation of key processes in cells. Furthermore, the expression of many genes is regulated by the binding of miRNAs to mRNAs. MiRNAs comprise a class of non-coding RNAs, which play a key role in the regulation of gene expression. MiRNAs are involved in many biological processes, including cell cycle, apoptosis, differentiation, development of skeletal muscle, immune reactions, responses to stress, and others. Since the synthesis of TFs may also be regulated by miRNAs, it is important to establish miRNAs, which can inhibit the synthesis of TFs. We identified the characteristics of binding miRNAs with mRNAs

of ZNF family genes, the most numerous family of TFs. Our objects of study were the ZNF family genes of wild camel, because these animals are different from other mammals, amazingly adapted to abnormal environmental conditions and many stress factors (Kaczynski et al., 2014).

#### Materials and methods

The nucleotide sequences of mRNAs of 157 TF genes within the ZNF family of *Camelus ferus* were taken from GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>). The nucleotide sequences of 2563 *Homo sapiens* has-miRNAs were taken from the miRBase database (<http://mirbase.org>). We used human miRNAs because camel miRNAs have not yet been identified. The search of miRNAs binding sites in the target genes mRNAs was performed using MirTarget (Ivashchenko et al., 2014). This program defines: the beginning of binding sites of miRNAs with mRNAs; the location of sites in the 5'-untranslated region (5'UTR), a protein-coding portion (CDS) and the 3'-untranslated region (3'UTR) of mRNA; the free energy of hybridization ( $\Delta G$ , kJ/mole) and patterns of interaction miRNAs nucleotides with mRNAs. We expected value of  $\Delta G/\Delta G_m$  (%), where  $\Delta G_m$  is the free energy of miRNA binding with fully complementary nucleotide sequence. Binding sites of miRNAs with mRNAs selected with the value of  $\Delta G/\Delta G_m$  equal or more than 90%. The position of the binding sites was shown from the first nucleotide (n.) of mRNA.

#### Results and discussions

We searched the binding sites of 2563 *Homo sapiens* miRNAs with the mRNA of 157 *Camelus ferus* ZNF family TF genes. In this paper, we present data on miRNAs binding to mRNAs of 32 *Camelus ferus* ZNF orthologous human ZNF. We predicted two binding sites in the 5'UTRs, 38 sites in CDSs and one site in the 3'UTR of 32 mRNAs of *Camelus ferus* TF genes. The value of  $\Delta G/\Delta G_m$ , characterizing the degree of affinity of miRNA to mRNA, varied from 90 to 96%. The mRNA of *GLIS1* (Glis Family Zinc Finger 1) gene has binding sites for miR-3142, miR-4417 and miR-7515. The mRNA of *ZNF423* gene has binding sites for miR-143-3r, miR-3155b and miR-4481. Thus, the expression of genes *GLIS1* and *ZNF423* is under strong control of miRNAs (Table 1). The protein GLIS1 contains transactivation and repressor functions. The *ZNF423* gene may play multiple roles in signal transduction during development. Two miRNAs bind with mRNAs of *GLI2*, *HIVEP2*, *MTF1*, *TRERF1* and *WIZ* genes. The *TRERF1* gene encodes a transcriptional regulating protein which regulates the *CYP11A1* gene (Gizard et al., 2005). The *WIZ* gene is conserved in chimpanzee, dog, cow, mouse, rat and chicken. This gene contains a nuclear localization signal from the critical region for velo-cardio-facial syndrome (Nomura et al., 1991).

Table 1. Characteristics of miRNAs binding sites with mRNAs of *Camelus ferus* ZNF family transcription factors localized in CDSs, 5'UTRs (\*) and 3'UTRs (\*\*)

Gene	miRNA	Position	$\Delta G/\Delta G_m$	Gene	miRNA	Position	$\Delta G/\Delta G_m$
E4F1	miR-6861-3p	1037	92	SP6	miR-7162-3p	882	90
EGR1	miR-4318	454	933	TRERF1	miR-1273f	1661	90
EGR4	miR-6867-3p	182	92	TRERF1	miR-3960	1669	93
GFI1	miR-4481	43	93	WIZ	miR-1260a	182	94
GLI2	miR-665	454	93	WIZ	miR-7155-3p	497	92
GLI2	miR-6763-5p	3650	92	ZFPM1	miR-1306-3p	942	94
GLIS1	miR-3142	1405	91	ZKSCAN4	miR-6828-3p	899	94
GLIS1	miR-4417	426*	90	ZNF142	miR-6132	3916	90
GLIS1	miR-7515	1922	91	ZNF143	miR-4313	25**	93
HINFP	miR-877-3p	146	93	ZNF212	miR-3155b	1198	90
HIVEP2	miR-1260b	6763	90	ZNF317	miR-342-3p	1346	90
HIVEP2	miR-23a-3p	2474	90	ZNF335	miR-548av-5p	1366	95
KLF15	miR-4302	538	90	ZNF423	miR-143-3p	2363	90
KLF4	miR-4478	394	91	ZNF423	miR-3155b	2918	92
KLF9	miR-4492	289	94	ZNF423	miR-4481	920	91
MECOM	miR-466	5158*	93	ZNF536	miR-4659b-5p	2161	91
MTF1	miR-378e	3373x	90	ZNF652	miR-6892-5p	1946	96
MTF1	miR-4776-5p	1693	91	ZNF687	miR-939-3p	2839	90
OSR2	miR-4436b-3p	851	91	ZNF688	miR-4492	242	90
PLAGL2	miR-4279	203	93	ZSCAN29	miR-146b-3p	613	91
PRDM10	miR-4516	2861	91				

The *HIVEP2* gene encoded protein regulates transcription by binding to regulatory regions of various cellular and viral genes that may involve in growth, development and metastasis of HIV-EP2 (Nomura et al., 1995). The protein encoded by *MECOM* gene is a transcriptional regulator and oncoprotein that may be involved in hematopoiesis, apoptosis, development, and cell differentiation and proliferation (Bard-Chapeau et al., 2013). The KLF9 is a circadian transcription factor in human epidermis that controls proliferation of keratinocytes (Spörl et al., 2012). The overexpression of ZKSCAN4 in different cell lines also inhibits the transcriptional activities of the tumor protein p53 and the cyclin-dependent kinase inhibitor p21 (Li et al., 2007).

#### References

- Bard-Chapeau E.A., Gunaratne J., Kumar P., Chua B.Q., Muller J., Bard F.A., Blackstock W., Copeland N.G., Jenkins N.A. 2013. EVI1 oncoprotein interacts with a large and complex network of proteins and integrates signals through protein phosphorylation // *Proc Natl Acad Sci USA*, 110(31). - E2885-2894.
- Gizard F., Robillard R., Barbier O., Quatannens B., Faucompré A., Révillon F., Peyrat J.P., Staels B., Hum D.W. 2005. TRERF-132 controls cell proliferation by regulating the expression of the cyclin-dependent kinase inhibitors p21WAF1/Cip1 and p27Kip1. *Molec. Cell Biol.*, 25(11), 4335-4348.



- Ivashchenko A., Berillo O., Pyrkova, A., Niyazova R., Atambayeva S., 2014. MiR-3960 binding sites with mRNA of human genes. *Bioinformation*. 10(7), 423-427.
- Kaczynsky P., Adiya Y., Von Wehrden H., Mijddorj B., Walzer C., Güthlin D., Enkhbileg D., Reading R.P. 2014. Space and habitat use by wild camels in the Transaltai Gobi of Southern Mongolia. *Biol. Conservation*, 169, 311-318.
- Nomura N., Zhao M.J., Nagase T., Maekawa T., Ishizaki R., Tabata S., Ishii S., 1991. HIV-EP2, a new member of the gene family encoding the human immunodeficiency virus type 1 enhancer-binding protein. Comparison with HIV-EP1/PRDII-BF1/MBP-1. *J. Biol. Chem.*, 266(13), 8590-8594.
- Spörl F., Korge S., Jurchott K., Wunedrskirchner M., Schellenberg K., Heins S., Specht A., Stoll C., Klemz R., Maier B., Wenck H., Schrader a., Kunz D., Blatt T., Kramer A., 2012. Krüppel-like factor 9 is a circadian transcription factor in human epidermis that controls proliferation of keratinocytes. *Proc Natl Acad Sci USA*. 109(27), 10903-10908.
- Li J., Wang Y., Fan X., Mo X., Wang Z., Li Y., Yin Z., Deng Y., Luo N., Zhu C., Liu M., Ma Q., Ocorr K., Yuan W., Wu X., 2007. ZNF307, a novel zinc finger gene suppresses p53 and p21 pathway. *Biochem Biophys Res Commun.*, 363(4), 895-900.

## GENETIC STRUCTURE AND VARIABILITY IN ALGERIAN DROMEDARY CAMELS ASSESSED BY MICROSATELLITE MARKERS

Amine Y.C.<sup>1</sup>, Rosangela G.<sup>2</sup>, Semir B.S.G.<sup>3</sup>, Lacalandra G.M.<sup>4</sup>, Nadhira M.S.<sup>1</sup>, Ciani E.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Lab. of Molecular and Cellular Genetics, Department of Applied Molecular Genetics, University of Science and Technology of Oran "Mohamed BOUDIAF" (USTOMB), Oran, ALGERIA; <sup>2</sup>Dep. of Biosciences, Biotechnologies and Biopharmaceutics, University of Bari "Aldo Moro", Bari, ITALY; <sup>3</sup>Dep. of Biology, University, Tlemcen, ALGERIA  
elena.ciani@uniba.it

### Abstract

Dep. of Emergency and Organ Transplantation, Section of Veterinary Clinics and Animal Production, University of Bari "Aldo Moro", Bari, ITALY

Despite dromedary camels represent an important economic resource in Algeria, knowledge on their genetic diversity and structure is still very poor. Here we contributed to fill this gap by characterizing a total of 198 Algerian camels from 7 sampling areas across the country using 20 STR markers. Nineteen loci were polymorphic (excluding the locus CMS17), with an average of  $8.7 \pm 5.4$  alleles. The average observed heterozygosity was  $0.60 \pm 0.17$ , the average expected heterozygosity was  $0.64 \pm 0.19$ ; four loci deviated significantly from Hardy-Weinberg proportions due to excess of homozygous genotypes. Only a mild significant ( $P \leq 0.01$ ) "linkage" disequilibrium was observed in the analysed sample. No clear genetic structure was detected using STRUCTURE. On the contrary, a meaningful stratification was observed when using DAPC, with samples from Adrar and Tamanrasset very well differentiated from all the others, samples from Tindouf well differentiated, though less distant, from the remaining two closer and less differentiated samples (Bechar and Centre). The Neighbor-Net Network analysis confirmed the results obtained using DAPC. The observed results seem to reflect the geographical location of the considered sampling areas. In fact, the region including the areas of Centre (Naama and El bayadh), Bechar and Tindouf represents the western extreme border of Algeria (likely more influenced by gene flow from Morocco and Mauritania); on the contrary, the two southern regions of Adrar and Tamanrasset are more likely to have been influenced by gene flow from Mali and Mali/Niger, respectively.

**Keywords:** *Microsatellites, genetic diversity, Camelus dromedarius, Algeria.*

## МИКРОСАТЕЛИТТИ МАРКЕРЛЕРМЕН СИПАТТАЛҒАН АЛЖИР ДРОМЕДАРЛАРЫНЫҢ ГЕНЕТИКАЛЫҚ ҚҰРЫМЫ МЕН ӨЗГЕРГІШТІГІ

Дромедар түйелері Алжирде маңызды экономикалық ресурс болып табылады, оған қарамастан олардың генетикалық алуан түрлілігі мен құрылымы әлі де толық зерттелмеген. Біз бұл зерттеулерді толықтыру үшін өзіміздің үлесімізді 20 STR маркерді қолдана отырып, мемлекеттің 7 аймағынан 198 Алжир түйесін сипаттау арқылы қостық. Он тоғыз локус полиморфты болып шықты (CMS17 локусынан басқа), орташа аллелдігі  $8.7 \pm 5.4$ . Анықталған гетерозиготтылық шамасы  $0.60 \pm 0.17$  болды, орташа күтілген гетерозиготтылық шамасы  $0.64 \pm 0.19$  болды; төрт локус Харди-Уейнберге пропорциясынан айтарлықтай ауытқыды, ол гомозиготты генотиптердің артық мөлшерде болуымен байланыстырылды. Анализденген сынамаларда тек орташа тұрақсыз «байланыс» ( $P \leq 0.01$ ) қаға табылды. STRUCTURE көмегімен генетикалық құрылымның ешбір айқын құрылымы табылған жоқ. Керісінше, DAPC қолдануы арқылы басқа сынамалардан қатты айырқшаланған Адрар мен Таманрассет сынамаларының айтарлық қатпарлануы байқалды, Тидуф сынамалары ең жақын екі аймақ сынмаларынан кішкене айырмашылық көрсетсе, ең кіші айырмашылығы бар сынамалар Бешар және Орталық аймақтыранын болды. Көршілік желілік талдау (Neighbor-Net Network) DAPC көмегімен алынған нәтижелерді растады. Алынған нәтижелер сынамаларды алу аймақтарының географиялық орналасуын сипаттады. Шынында, Орталық зоналарды тұтастыратын аймақтар (Наама және Эль баядах), Бешар және Тиндуф Алжирдың тайыр батыс шекарасын көрсетеді (гендер ағыны Морокко мен мавританиядан келеді); екі Солтүстік аймақ, Адрар және Таманрасет, сәйкесінше Мали мен Мали/Нигер гендер ағымының әсерінде.

**Түйін сөздер :** *микросателиттер, генетикалық алуантүрлілік, Camelus dromedarius, Алжир.*